

## 科学研究費助成事業 研究成果報告書

平成 27 年 5 月 29 日現在

機関番号：82706

研究種目：若手研究(A)

研究期間：2012～2014

課題番号：24687011

研究課題名(和文)アーキアハンティング：純粋分離で解明する培養困難な未知アーキアの新生物機能

研究課題名(英文)Archaeal hunting: cultivation of uncultured fastidious Archaea

## 研究代表者

井町 寛之 (IMACHI, Hiroyuki)

独立行政法人海洋研究開発機構・深海・地殻内生物圏研究分野・主任研究員

研究者番号：20361933

交付決定額(研究期間全体)：(直接経費) 21,100,000円

研究成果の概要(和文)：アーキアに属する微生物群の多くは分離培養がなされていないため不明な点が多い。そこで本研究では、新規培養技術と分子生物学的手法を用いて未知アーキアの分離培養を試みた。本研究期間中は嫌氣的メタン酸化反応に関わる未知アーキアに焦点を当て研究を進めた。その結果、リアクター培養法により多種多様な未知アーキアを集積培養することに成功した。続いて、本集積培養系にシングルセルゲノム解析を行った結果、ある未知アーキア群は硫黄代謝に関係する特徴的な遺伝子を持っていることが判明した。これら未知アーキアを分離するまでには至っていないが、本研究において未知アーキアの代謝機能の一端を明らかにした。

研究成果の概要(英文)：Cultured enrichments and isolates are important in developing our understanding of microbial physiology, genetics, and ecology. However, many microorganisms, particularly members of the domain Archaea, remain uncultured under laboratory conditions. In this study, I attempted to cultivate and isolate uncultured Archaea using a new cultivation technique I developed and molecular techniques. As a result, I successfully obtained three anaerobic methane-oxidizing microbial communities that contain phylogenetically diverse of uncultured archaeal groups. The single cell genome analysis for one of the enriched microbial communities revealed that an uncultured archaeal group might have a unique sulfur metabolism gene. Unfortunately, isolates of the uncultured archaeal group was not obtained during the period of this study, but the enrichments and single cell genome analysis provide new information about the uncultured archaea.

研究分野：環境微生物学

キーワード：アーキア 分離培養 16S rRNA遺伝子 メタン

## 1. 研究開始当初の背景

アーキア(古細菌)は3つの生物ドメインのうち最も理解が進んでいない生物ドメインである。それは16S rRNA 遺伝子に基づいた分子系統解析の結果がはっきりと示している。アーキアを門や綱といった分類学上の高い階層でグルーピングして鳥瞰すると、それらの大半は純粋分離がなされたことがなく機能が不明なグループであることがわかる。機能が不明なグループが多いアーキアではあるが、今までの研究からアーキアは地球規模での物質循環に大きく関与あるいは産業上極めて重要であることが明らかとなっている。具体的には、(1)メタン生成アーキアはメタンを生成する性質を持つことから、地球温暖化ならびに天然ガス生成といった環境とエネルギー問題に直結している、(2)超高温、強酸・強アルカリ等の極限環境に生息するアーキアが持つ酵素はバイオテクノロジー産業への応用が大きく期待されている、(3)海底下生命圏における優占種はバクテリアではなくアーキアであることが推定され、地球における最大のバイオマスはアーキアであると見積もられている。これらいくつかの情報を眺めただけでも、アーキアが地球上において重要な機能を果たしていることは明白である。

## 2. 研究の目的

未知なアーキアを純粋分離することで、最近流行りの分子生物学的手法に依存した解析だけでは絶対に明らかにできない、アーキアの持つ多様で新しい生物機能を明らかにすることを目的とする。本研究課題の期間だけではすべての未知アーキアグループを分離培養することは困難であるので、嫌氣的メタン酸化反応に関与するアーキア群に特に焦点を当て、研究代表者が開発したリアクター培養法と最先端の微生物機能推定技術を組み合わせた複眼的アプローチにより分離・培養を目指した。

## 3. 研究の方法

### (1) 嫌氣的メタン酸化反応に関わるアーキアの培養方法

嫌氣的メタン酸化反応に関与するアーキアの培養には、下降流懸垂型スポンジ(down-flow hanging sponge: DHS) リアクターを用いた。DHS リアクターには円筒形をした密閉型アクリル製容器を用いた。リアクター内部には1辺が3 cmあるいは2 cmの立方体スポンジ担体を糸で数珠なりに連結してリアクター上部からつり下げた。リアクター上部から嫌氣的にした人工海水を、リアクター下部からメタンガスを供給した。DHS リアクターは10°Cの恒温器内で運転を行った。3器のDHS リアクターの運転を行い、1つは南海トラフの冷湧水帯堆積物を用いた硫酸還元依存型の嫌氣的メタン酸化反応を担うアーキアの培養を、残りの2器は米国オ

レゴン州沖の冷湧水帯堆積物を植種源とした硫酸還元依存型の嫌氣的メタン酸化と鉄/マンガン還元依存型の嫌氣的メタン酸化を担うアーキアの集積培養を行った。

### (2) 16S rRNA 遺伝子に基づいた解析方法

DNA 抽出はビーズビーター法による物理的細胞破碎法により行った。抽出したDNAを鋳型にしてアーキアの16S rRNA 遺伝子のPCR増幅を行った。そのPCR増幅にはアーキアの16S rRNA 遺伝子に特異的なArch21f/Ar912rと340F/932Rおよびアーキアおよびバクテリアの16S rRNA 遺伝子に特異的な530F/907Rのプライマーセットを用いた。PCR増幅産物は、従来型のクローン解析および次世代シーケンサーによるtag-sequence解析に用いた。標的とする未知アーキア細胞の視覚的検出にはfluorescence in situ hybridization (FISH)法を用いた。

### (3) シングルセルゲノム解析

DHS リアクターのスポンジ担体から回収したアーキア細胞を含む溶液を、米国Bigelow Laboratory for Ocean Sciencesのシングルセルゲノム解析センターに送り、外注分析を行った。フローサイトメトリーにより分取された1細胞由来の16S rRNA 遺伝子の情報からアーキア由来と判定されたものを、全ゲノム増幅を行った後にゲノム配列を決定した。決定されたゲノム配列のアノテーション作業は研究代表者自身で行い、BLASTプログラム等を利用して解析を行った。

## 4. 研究成果

### (1) 南海トラフ冷湧水帯堆積物からの嫌氣的メタン酸化アーキアの培養

この嫌氣的メタン酸化反応に関与するアーキア群の集積培養は、先2回の若手研究(A)から引き続き行ったものである。5年以上にわたる長期間の培養結果をまとめて、論文としてまとめ、最終的にPLoS ONEに掲載された。得られた結果について以下にまとめる。

南海トラフの冷湧水帯から採取した堆積物(和歌山県沖、水深約2,500 m、有人潜水調査船「しんかい 6500」により採取)を植種源として、DHS リアクターを用いて約5年半の連続培養を行った。DHS リアクター内で嫌氣的メタン酸化反応に関与する微生物群集が培養されているかどうかを明らかにするため、<sup>13</sup>C 標識したメタンを用いた方法により、培養開始1,523日目の集積培養サンプルの嫌氣的メタン酸化活性を測定した。その結果、集積培養サンプルが375 nmol g<sub>dry weight</sub><sup>-1</sup> day<sup>-1</sup>の嫌氣的メタン酸化活性を有しており、嫌氣的メタン酸化反応に関与する微生物群集がリアクター内で培養されていることが強く示唆された。続いて、DHS リアクター内のアーキアが生きた状態で存在しているのかの確認と、培養できているのであればどのようなアーキアが存在しているのかを調べるため、培養開始903および2,013日目の集

積培養サンプルをスポンジ担体から回収し、DNA および RNA を鋳型とした 16S rRNA のクローン解析を行った。その結果、嫌氣的メタン酸化反応を直接担っているとされる Archaeal anaerobic methanotroph (ANME) に属するアーキアのクローンが高頻度に検出された。ANME アーキアの中では、サブグループの 1 つである ANME-2a のクローンが最も高頻度に検出され、培養開始 2,013 日目の集積培養サンプルにおいては、約 6 割が ANME-2a に属するクローンであった。ANME アーキアに加えて、海底堆積物環境に普遍的かつ優占的に存在し、海底堆積物環境の物質循環において重要な役割を担っていることが推測されている Deep Sea Archaeal Group (DSAG) や Marine Benthic Group-D (MBG-D) 等の未知アーキアグループに属するクローンも優占的に検出された。

クローン解析により検出された未知アーキアを標的として、FISH 法あるいは高感度 FISH 法である CARD-FISH 法による視覚的検出を試みた。その結果、*Methanococoides*、ANME-1、ANME-2a、ANME-2c、DSAG および MBG-D に属するアーキア細胞の検出に成功した。なお、ANME-2 は共生相手であるバクテリアと物理的に密着した凝集体を形成し生育することが報告されているが、CARD-FISH 法により検出された ANME-2a は、全てシングルセルで存在していた。そのため、本リアクター内に存在する ANME-2a は共生相手であるバクテリアと物理的に密着した凝集体を形成しなくとも生育していることが示唆された。

本研究課題では、さらに、DHS リアクターを使って得た本嫌氣的メタン酸化微生物群集に対して、未知アーキア群に焦点を当て、シングルセルゲノム解析を行った。リアクターのスポンジに付着している細胞を含んだ培養液を米国 Bigelow Laboratory for Ocean Science に送り、シングルセルゲノム解析を行った。フローサイトメトリーにより 1 細胞ごとに分取された細胞由来の 16S rRNA 遺伝子の多くはバクテリアに由来するものであったが、いくつかの細胞はアーキアに由来するものであった。それらのアーキアはすべて分離株が未だない未知アーキア群に属しており、それらのゲノム配列決定を行った。得られたゲノム配列は BLAST プログラムを用いて公共データベースに登録されている遺伝子やアミノ酸配列に対して相同性検索を行った。その結果、いくつかのアーキア細胞由来の DNA に硫酸還元バクテリア由来の DNA が混在してしまっていることが判明した。この原因ははっきりわからないが、シングルセルゲノム解析の最初のステップでフローサイトメトリーを使って 1 つ 1 つの細胞に分けるが、この際に 2 つの細胞が付着したものが、1 つの細胞と認識されて回収されたことが原因であると考えられた。しかしながら、いくつかの未知アーキア DNA 由来と考えられる

硫黄代謝に関わる遺伝子があることが判明した。現在、このゲノム情報に基づいて、DHS リアクターで集積培養された嫌氣的メタン酸化微生物群集を植種源として、この未知アーキアの分離培養を試みているところである。

(2) 米国オレゴン州沖冷湧水帯堆積物からの嫌氣的メタン酸化アーキアの培養

カリフォルニア工科大学の研究チームの協力を得て、新たに DHS リアクターを 2 器作成し、米国オレゴン沖の冷湧水帯堆積物を植種源として、硫酸還元依存型の嫌氣的メタン酸化反応および鉄/マンガン還元依存型の嫌氣的メタン酸化反応に関わるアーキアの培養を開始した。定期的に水・ガスの分析を行った結果、硫酸還元依存型の嫌氣的メタン酸化反応をするアーキアの培養を行っているリアクターにおいて、嫌氣的メタン酸化反応が起きていることが示唆された。そこで、全アーキアの 16S rRNA に特異的な DNA プロンプを用いた FISH 法を行ったところ、形態学的に異なる複数のアーキア細胞を検出することに成功した。さらに、次世代シーケンサーを用いた 16S rRNA 遺伝子 tag-sequencing 解析の結果から、ANME アーキアを含めた多様なアーキアが集積培養されていることが判明した。以上の結果から、DHS リアクター内に嫌氣的メタン酸化反応に関与すると推定されている未知アーキアの集積培養に成功していると判断した。現在、この集積培養した嫌氣的メタン酸化アーキア群集を用いて分離培養と共に安定同位体基質を用いた基質の取り込み実験やゲノム解析を展開する準備を進めている。

(3) 未知アーキアの分離培養に向けて

先に述べたように、DHS リアクターを用いた長期間に渡る培養の結果、ANME、MBG-D や DSAG 等の海底下に優占化している多様な未知アーキアを含む集積培養系を得ることに成功している。この集積培養系の獲得には、先 2 回の若手研究(A)から行ってきた DHS リアクターによる長期間の培養が必要であった。培養条件の最適化が十分でないことも理由の 1 つと考えられるが、従来の試験管等を使ったバッチ式培養法等ではこれらのアーキアの培養された報告はないこと、そして増殖が極度に遅いと考えられている海底下微生物 (環境中での倍加時間は 100~1,000 年との予測もある) が数年で培養できたことは、本手法の有効性を示すものであろう。今のところ研究代表者が知りうる限り、世界においてこれら未知アーキアを集積培養できているという情報はない。つまり、研究代表者がこれら未知アーキアの分離株の獲得に最も近いところにいる可能性がある。

そこで、これらのアーキアを分離培養すべく、大量のバイアル瓶を準備して様々な培地を作成し、リアクター集積培養物を植種源としてこれら未知アーキアの分離を試みたが、アーキアではなく、リアクター集積培養物に

混在するバクテリアが早く増殖してしまい上手く進めることができなかつた。そこで、各未知アーキア群の 16S rRNA 遺伝子に特異的なプライマーを作成し、定量 PCR によって、各未知アーキアの増殖をモニタリング可能とした。今後はこれら定量 PCR を併用しながら、未知アーキアの分離培養を進める予定であるが、さらなるゲノム解析 (シングルセルゲノム/メタゲノム) や超高空間分解能二次イオン質量分析計 (NanoSIMS) を取り入れた最先端の解析手法を活用し、効率良く分離培養を進めて必要があると考えている。

#### 5. 主な発表論文等

(研究代表者、研究分担者及び連携研究者には下線)

[雑誌論文] (計 14 件)

- ① 青木仁孝、井町寛之 2014. 海底堆積物中のメタン生成および酸化反応を担う微生物 (特集 地球温暖化と海洋微生物) 生物の科学 遺伝、vol. 687, pp. 486-491、株式会社エヌ・ティー・エス. 査読無,  
[http://www.nts-book.co.jp/item/detail/summary/bio/20051225\\_42bk14.html](http://www.nts-book.co.jp/item/detail/summary/bio/20051225_42bk14.html)
- ② Yamamoto, K., H. Tamaki, H. Cadillo-Quiroz, H. Imachi, N. Kyrpides, T. Woyke, L. Goodwin, S. H. Zinder, Y. Kamagata and W-T. Liu. 2014. Complete genome sequence of *Methanolinea tarda* NOBI-1<sup>T</sup>, a hydrogenotrophic methanogen isolated from methanogenic digester sludge. *Genome Announc*, 2(5):e00876-14. 査読有, DOI: 10.1128/genomeA.00876-14.
- ③ Yamamoto, K., H. Tamaki, H. Cadillo-Quiroz, H. Imachi, N. Kyrpides, T. Woyke, L. Goodwin, S. H. Zinder, Y. Kamagata and W-T. Liu. 2014. Complete genome sequence of *Methanoregula formicica* SMSP<sup>T</sup>, a mesophilic hydrogenotrophic methanogen isolated from a methanogenic upflow anaerobic sludge blanket reactor. *Genome Announc*, 2(5): e00870-14. 査読有, DOI: 10.1128/genomeA.00870-14
- ④ Aoki, M., M. Ehara, Yumi Saito, H. Yoshioka, M. Miyazaki, Yayoi Saito, A. Miyashita, S. Kawakami, T. Yamaguchi, A. Ohashi, T. Nunoura, K. Takai and H. Imachi. 2014. A long-term cultivation of an anaerobic methane-oxidizing microbial community from deep-sea methane-seep sediment using a continuous-flow bioreactor. *PLoS ONE*, 9(8): e105356. 査読有, DOI: 10.1371/journal.pone.0105356
- ⑤ Miyazaki, M., S. Sakai, K. M. Ritalahti, Yayoi Saito, Y. Yamanaka, Yumi Saito, A. Tame, K. Uematsu, F. E. Löffler, K. Takai and H. Imachi. 2014. *Sphaerochaeta multiformis* sp. nov., an anaerobic, psychrophilic bacterium isolated from subseafloor sediment, and emended description of the genus *Sphaerochaeta*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 64: 4147-4154. 査読有, DOI: 10.1099/ij.s.0.068148-0
- ⑥ Miyazaki, M., S. Sakai, Y. Yamanaka, Y. Saito, K. Takai and H. Imachi. 2014. *Spirochaeta psychrophila* sp. nov., a psychrophilic spirochaete isolated from subseafloor sediment, and emended description of the genus *Spirochaeta*. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 64: 2798-2804. 査読有, DOI: 10.1099/ij.s.0.062463-0
- ⑦ Imachi, H., S. Sakai, J. S. Lipp, M. Miyazaki, Y. Saito, Y. Yamanaka, K.-U. Hinrichs, F. Inagaki and Ken Takai. 2014. *Pelolinea submarina* gen. nov., sp. nov., an anaerobic, filamentous bacterium of the phylum *Chloroflexi* isolated from subseafloor sediment. *Int. J. Syst. Evol. Microbiol.* 64: 812-818. 査読有, DOI: 10.1099/ij.s.0.057547-0
- ⑧ Ohtomo, Y., A. Ijiri, Y. Ikegawa, M. Tsutsumi, H. Imachi, G. Uramoto, T. Hoshino, Y. Morono, S. Sakai, Y. Saito, W. Tanikawa, T. Hirose and F. Inagaki. 2013. Biological CO<sub>2</sub> conversion to acetate in subsurface coal-sand formation using a high-pressure reactor system. *Front Microbiol*, 4: 361. 査読有, DOI: 10.3389/fmicb.2013.00361
- ⑨ Takano, Y., M. Kaneko, J. Kahnt, H. Imachi, S. Shima and N. Ohkouchi. 2013. Detection of coenzyme F430 in deep sea sediments: A key molecule for biological methanogenesis. *Organic Geochemistry* 58: 137-140. 査読有, DOI: 10.1016/j.orggeochem.2013.01.012
- ⑩ Nunoura, T., M. Hirai, M. Miyazaki, H. Kazama, H. Makita, H. Hirayama, Y. Furushima, H. Yamamoto, H. Imachi and K. Takai. 2013. Isolation and characterization of a thermophilic, obligately anaerobic and heterotrophic marine *Chloroflexi* bacterium from a *Chloroflexi* dominated microbial community associated with a Japanese shallow hydrothermal system, and proposal for *Thermomarinilinea lacunofontalis* gen. nov., sp. nov. *Microb. Environ.* 28: 228-235. 査読有, DOI: 10.1264/jsme2.ME12193
- ⑪ Takai, K., M. Abe, M. Miyazaki, O. Koide, T. Nunoura, H. Imachi, F. Inagaki and T. Kobayashi. 2013. *Sunxiuqinia faeciviva* sp. nov., a novel facultatively anaerobic, organoheterotrophic bacterium within the *Bacteroidetes* isolated from deep subseafloor sediment offshore Shimokita,

- Japan. Int. J. Syst. Evol. Microbiol. 63: 1602-1609. 査読有,  
DOI: 10.1099/ijs.0.044065-0
- ⑫ Sumino, H., R. Murota, A. Miyashita, H. Imachi, A. Ohashi, H. Harada and K. Syutsubo. 2012. Treatment of low-strength wastewater in an anaerobic down-flow hanging sponge (AnDHS) reactor at low temperature. *Journal of Environmental Science and Health. Part A.* 47: 1803-1808. 査読有,  
DOI: 10.1080/10934529.2012.689241
- ⑬ Nunoura, T., Y. Takaki, H. Kazama, M. Hirai, J. Ashi, H. Imachi and K. Takai. 2012. Microbial diversity in deep-sea methane seep sediments presented by SSU rRNA gene tag sequencing. *Microb. Environ.* 27: 382-390. 査読有,  
DOI: 10.1264/jsme2.ME12032
- ⑭ 井町寛之、稲垣史生 2012. 深海底環境からのメタン生成菌の効率的な培養技術、月刊ファインケミカル 2012 年 12 月号、Vol. 41, pp. 40-47、シーエムシー出版. 査読無,  
[https://www.cmcbooks.co.jp/products/detail.php?product\\_id=4339](https://www.cmcbooks.co.jp/products/detail.php?product_id=4339)
- [学会発表] (計 14 件)
- ① 井町寛之、持続的 CO<sub>2</sub> 還元を可能にするバイオリアクターについて、平成 26 年度水溶性天然ガス田の生産に係る技術検討会第 4 回水溶性天然ガス (ガス田) を対象とした炭素循環の可能性検討会 (CO<sub>2</sub>EGR 及び地中メタン生成技術) ワーキンググループ、独立行政法人石油天然ガス・金属鉱物資源機構東京本部、東京都港区、2015 年 1 月 23 日
- ② Imachi, H., Cultivation of methanogenic microbial community from the deeply buried coalbeds in the ocean. 9<sup>th</sup> International Symposium on Subsurface Microbiology (ISSM), Pacific Grove, CA, USA, 2014 年 10 月 6 日
- ③ Imachi, H., Cultivation of methanogenic community from 2-km deep subseafloor coalbeds using a down-flow hanging sponge bioreactor. International Society for Microbial Ecology 15 (ISME15), Seoul, South Korea, 2014 年 8 月 25 日
- ④ Aoki, M., Cultivation of a microbial community capable of anaerobic oxidation of methane from methane-seep sediment by a continuous-flow bioreactor. International Society for Microbial Ecology 15 (ISME15), Seoul, South Korea, 2014 年 8 月 25 日
- ⑤ Saito, Y., Cultivation of anaerobic, syntrophic heterotrophic bacteria with hydrogenotrophic methanogens from deep subseafloor sediments off Shimokita, Japan. International Society for Microbial Ecology 15 (ISME15), Seoul, South Korea, 2014 年 8 月 25 日
- ⑥ 井町寛之、海底下メタン菌の連続リアクター培養と CO<sub>2</sub> 資源化への応用、シンポジウム「海底下の炭化水素資源・炭素循環と地球生命工学」、東京大学理学部小柴ホール、東京都文京区、2014 年 1 月 24 日
- ⑦ Imachi, H., Cultivation of methanogenic community from 2-km deep subseafloor coalbeds using a continuous-flow bioreactor. AGU2013 Fall Meeting, San Francisco, USA, 2013 年 12 月 10 日
- ⑧ 井町寛之、Cultivation of methanogenic microbial community from 2-km deep subseafloor coalbeds using a continuous-flow bioreactor、第 29 回日本微生物生態学会大会、鹿児島大学郡元キャンパス、鹿児島、鹿児島市、2013 年 11 月 23 日
- ⑨ 斎藤弥生、深海堆積物からの嫌気共生細菌の培養とその分離の試み、第 29 回日本微生物生態学会大会、鹿児島大学郡元キャンパス、鹿児島県鹿児島市、2013 年 11 月 23 日
- ⑩ Aoki, M., A long-term cultivation of an anaerobic methane-oxidizing sulfate-reducing community by a down-flow hanging sponge bioreactor. The 5<sup>th</sup> Taiwan-Japan-Korea International Symposium on Microbial Ecology, National Central University, Zhongli, Taiwan, 2013 年 11 月 1 日
- ⑪ 青木仁孝、嫌氣的メタン酸化反応に関与する海底下未知アーキアの培養、第 47 回日本水環境学会年会、大阪工業大学大宮キャンパス、大阪府大阪市、2013 年 3 月 10 日
- ⑫ 青木仁孝、廃水処理リアクターを用いた嫌氣的メタン酸化反応を担う未知アーキアの培養、第 67 回土木学会年次講演会、名古屋大学東山キャンパス、愛知県名古屋市、2012 年 9 月 5 日
- ⑬ Imachi, H., Sponges as microbial habitats: cultivation of fastidious subseafloor sedimentary microbes using continuous-flow bioreactor. International Society for Microbial Ecology 14 (ISME14), Copenhagen, Denmark, 2012 年 8 月 22 日
- ⑭ Imachi, H., Cultivation of anaerobic methanotrophic community from subseafloor sediment using continuous-flow bioreactor. 112<sup>th</sup> ASM General Meeting, San Francisco, CA, USA, 2012 年 6 月 17 日
- [図書] (計 2 件)
- ① Sakai, S., R. Conrad and H. Imachi. 2014.

Family *Methanocellaceae*. In *The Prokaryotes 4<sup>th</sup> Edition. Other Major Lineages of Bacteria and The Archaea*, Edited by E. Rosenberg, E. F. DeLong, S. Lory, E. Stackebrandt and F. Thompson, pp. 209-214. Springer.

- ② Engelen, B. and Imachi, H. 2014. Chapter 2.6 Cultivation of Subseafloor Prokaryotic Life, In *Earth and Life Processes Discovered from Subseafloor Environment - A Decade of Science Achieved by the Integrated Ocean Drilling Program (IODP)*, Edited by R. Stein, D. Blackman, F. Inagaki, and H.-C. Larsen, pp. 197-209. Elsevier.

[その他]

- ① NHK BS プレミアム「まるごと知りたい! A to Z 冷夏? 猛暑? どうなってるの異常気象」、メタン菌の画像提供、2014年7月26日放送
- ② NHK BS1「スペースシップアースの未来 第3回「客室維持装置」に異変あり」、メタン生成アーキアの画像提供、2014年1月17日放送
- ③ 平成26年度科学技術の「美」パネル展出展に海底下メタン生成アーキアの画像を出品

## 6. 研究組織

### (1) 研究代表者

井町 寛之 (IMACHI, Hiroyuki)

独立行政法人海洋研究開発機構・深海・地殻内生物圏研究分野・主任研究員

研究者番号：20361933